



**Baishideng
Publishing
Group**

7901 Stoneridge Drive, Suite 501,
Pleasanton, CA 94588, USA
Telephone: +1-925-223-8242
Fax: +1-925-223-8243
E-mail: bpgoffice@wjgnet.com
<https://www.wjgnet.com>

《世界华人消化杂志》同行评议报告

期刊名称: 世界华人消化杂志

手稿编号: WCJD-35305

题目: 基于 16S rRNA 序列分析肠道菌群失调与溃疡性结肠炎的相关性

审稿人 ID: 03656336

审稿人省市: 山西省

科学编辑: Rui-Fang Li

送审日期: 2017-10-23

审稿日期: 2017-10-23

审稿时间: 8 小时

学术质量评级	语言质量评级	学术不端行为	结论
<input type="checkbox"/> A 级: 优秀	<input type="checkbox"/> A 级: 优先出版	百度学术检索:	<input type="checkbox"/> 接受
<input type="checkbox"/> B 级: 很好	<input type="checkbox"/> B 级: 小修	<input type="checkbox"/> 题目相同	<input type="checkbox"/> 优先出版
<input checked="" type="checkbox"/> C 级: 良好	<input checked="" type="checkbox"/> C 级: 大修	<input type="checkbox"/> 重复发表	<input type="checkbox"/> 退稿
<input type="checkbox"/> D 级: 一般	<input type="checkbox"/> D 级: 拒绝	<input type="checkbox"/> 剽窃	<input type="checkbox"/> 小修
<input type="checkbox"/> E 级: 差		<input checked="" type="checkbox"/> 没有	<input checked="" type="checkbox"/> 大修
		BPG 检索:	
		<input type="checkbox"/> 题目相同	
		<input type="checkbox"/> 重复发表	
		<input type="checkbox"/> 剽窃	
		<input checked="" type="checkbox"/> 没有	

审稿人给作者的意见

修改意见: 1.文中提到入选标准“采集粪便标本前 4 周末使用微生态制剂或抗生素,在采样前均未接受过任何治疗”,意思是所选溃结患者均处于缓解期么?且不需要药物治疗? 2.如何确定研究病例数? 3.作为临床研究,病例数较少。 4.两组人群之间可比性?请提供两组人群的人口学资料比较。 5.提供两组粪便标本 PCR 扩增所得到的 16S rRNA 序列数据 6.“本研究通过宏基因组学 16S rRNA 测序技术分析了 UC 患者和正常人群肠道的菌群构成,证实 UC 患者的肠道菌群整体结构与健康对照人群具有显著的差异,主要表现为拟杆菌门、

变形菌门和厚壁菌门含量降低[4]”结果部分中这句话，是该研究的结论还是参考文献？ 7. 结论中存在同样问题“本研究通过对浙江杭州地区 16 例样本肠道菌群进行测序，对 UC 患者肠道菌群结构的特征进行了描述。选取 8 例 UC 患者和 8 例健康对照志愿者的粪便样品作为研究对象，以高通量测序技术结合统计学方法检测细菌 16S rRNA 基因 V3 区的多样性 [16]” 结果部分中这句话，是该研究的结论还是参考文献？ 8.结论中“通过分析疾病相关的关键菌群结构，有助于了解疾病的分子病理基础，并为新药设计提供可借鉴的理论依据”这句结论不够严谨。



**Baishideng
Publishing
Group**

7901 Stoneridge Drive, Suite 501,
Pleasanton, CA 94588, USA
Telephone: +1-925-223-8242
Fax: +1-925-223-8243
E-mail: bpgoffice@wjgnet.com
<https://www.wjgnet.com>

《世界华人消化杂志》同行评议报告

期刊名称: 世界华人消化杂志

手稿编号: WCJD-35305

题目: 基于 16S rRNA 序列分析肠道菌群失调与溃疡性结肠炎的相关性

审稿人 ID: 03656373

审稿人省市: 贵州省

科学编辑: Rui-Fang Li

送审日期: 2017-10-23

审稿日期: 2017-10-24

审稿时间: 1 天

学术质量评级	语言质量评级	学术不端行为	结论
<input type="checkbox"/> A 级: 优秀	<input checked="" type="checkbox"/> A 级: 优先出版	百度学术检索:	<input checked="" type="checkbox"/> Y 接受
<input checked="" type="checkbox"/> B 级: 很好	<input type="checkbox"/> B 级: 小修	<input type="checkbox"/> 题目相同	<input type="checkbox"/> 优先出版
<input type="checkbox"/> C 级: 良好	<input type="checkbox"/> C 级: 大修	<input type="checkbox"/> 重复发表	<input type="checkbox"/> 退稿
<input type="checkbox"/> D 级: 一般	<input type="checkbox"/> D 级: 拒绝	<input type="checkbox"/> 剽窃	<input type="checkbox"/> 小修
<input type="checkbox"/> E 级: 差		<input checked="" type="checkbox"/> Y 没有	<input type="checkbox"/> 大修
		BPG 检索:	
		<input type="checkbox"/> 题目相同	
		<input type="checkbox"/> 重复发表	
		<input type="checkbox"/> 剽窃	
		<input checked="" type="checkbox"/> Y 没有	

审稿人给作者的意见

本研究通过人群的群组比较分析,发现了 UC 患者中普遍存在着肠道菌群结构失调的现象。研究结果提示,肠道菌群的结构改变可以作为一个优选指标,用于监测肠道疾病易感人群的健康状态,结合其他临床指标综合评估易感人群肠道疾病患病风险。本研究所揭示的与 UC 相关的菌群结构变化特征也将有助于更深入地研究宿主和肠道菌群之间在代谢和免疫等方面的相互作用,并揭示菌群在 UC 发生发展过程中的作用。



**Baishideng
Publishing
Group**

7901 Stoneridge Drive, Suite 501,
Pleasanton, CA 94588, USA
Telephone: +1-925-223-8242
Fax: +1-925-223-8243
E-mail: bpgoffice@wjgnet.com
<https://www.wjgnet.com>

《世界华人消化杂志》同行评议报告

期刊名称: 世界华人消化杂志

手稿编号: WCJD-35305

题目: 基于 16S rRNA 序列分析肠道菌群失调与溃疡性结肠炎的相关性

审稿人 ID: 00049305

审稿人省市: 上海市

科学编辑: Rui-Fang Li

送审日期: 2017-10-23

审稿日期: 2017-10-28

审稿时间: 5 天

学术质量评级	语言质量评级	学术不端行为	结论
<input type="checkbox"/> A 级: 优秀	<input type="checkbox"/> A 级: 优先出版	百度学术检索:	<input type="checkbox"/> 接受
<input type="checkbox"/> B 级: 很好	<input type="checkbox"/> B 级: 小修	<input type="checkbox"/> 题目相同	<input type="checkbox"/> 优先出版
<input checked="" type="checkbox"/> C 级: 良好	<input checked="" type="checkbox"/> C 级: 大修	<input type="checkbox"/> 重复发表	<input type="checkbox"/> 退稿
<input type="checkbox"/> D 级: 一般	<input type="checkbox"/> D 级: 拒绝	<input type="checkbox"/> 剽窃	<input type="checkbox"/> 小修
<input type="checkbox"/> E 级: 差		<input checked="" type="checkbox"/> 没有	<input checked="" type="checkbox"/> 大修
		BPG 检索:	
		<input type="checkbox"/> 题目相同	
		<input type="checkbox"/> 重复发表	
		<input type="checkbox"/> 剽窃	
		<input checked="" type="checkbox"/> 没有	

审稿人给作者的意见

本文通过采用粪便中 DNA 样本, 进行 16S rRNA V3 区基因扩增及焦磷酸测序技术, 初步分析了 UC 患者粪便中菌群的变化, 有一定的临床价值。1, 中文摘要中, 结果部分, 提出了 11 个代谢通路有变化, 请详细列举说明 2, 在方法部分中, 应详细说明 UC 患者的基本信息, 例如活动度, 炎症部位, 是否接受药物治疗, 合并症等? 3, 本文病例数太少, 建议采用 RT-PCR 方法, 在新的病例中验证结果。